```
FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
 version 3.3t05 March 30, 2000
Please cite:
 W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAAQPaiHi: 995 aa
 >SEQ ID NO:2
 vs  /tmp/fastaDAARPaiHi library
searching /tmp/fastaDAARPaiHi library

   1008 residues in      1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, BL50 matrix (15:-5)] ktup: 2
 join: 39, opt: 27, gap-pen: -12/ -2, width:  16
 Scan time:  0.050
The best scores are:                                     opt
NM_000096 ACCESSION:NM_000096 NID: gi 4557484 ref  (1008) 2671

>>NM_000096 ACCESSION:NM_000096 NID: gi 4557484 ref NM_0  (1008 aa)
 initn: 1414 init1: 972 opt: 2671
Smith-Waterman score: 3980;  57.002% identity in 1014 aa overlap (1-992:1-1008)


              10        20        30        40        50
SEQ    MKILILGIFLFLCSSPGWAIDRHCYIGIEESIWNYAPSGKNMLNEKPFSEDLE----FLQ
       ::::::::::::::.:.:: ..: :::: :. :.:: .. ..: .: : :     .::
NM_000 MKILILGIFLFLCSTPAWAKEKHYYIGIIETTWDYA---SDHGEKKLISVDTEHSNIYLQ
              10        20        30          40        50

             60        70        80        90       100       110
SEQ    GGQARKSFVFKKALYFQYTDNTFQRIIEKPSWLGFLGPMIKAETGDFIYVHVKNNASRAY
       .:  : . ..:::::.:::.::.  :::: ::::::::::.:.::::: .::::.:: ::: :
NM_000 NGPDRIGRLYKKALYLQYTDETFRTTIEKPVWLGFLGPIIKAETGDKVYVHLKNLASRPY
              60        70        80        90       100       110

            120       130       140       150       160       170
SEQ    SYHPHGLTYSKENEAHGAIYPDNTTGLQKEVEYLEPGKQYTYKWYVEEHQGPGPNDSNCV
       ..: ::.:: ::.:  :::::::: .:.    . . ::.:::  . :.:.:: ..:.:::
NM_000 TFHSHGITYYKEHE--GAIYPDNTTDFQRADDKVYPGEQYTYMLLATEEQSPGEGDGNCV
              120       130       140         150       160       170

            180       190       200       210       220       230
SEQ    TRIYHSHIDTARDVASGLIGPILTCKRGTLNGDTEKDIDRSSFLMFSTTDESRSWYSDEN
       :::::::::. .:.::::::::. ::. ..: . :: :::   .::.,.:: ::: ..:
NM_000 TRIYHSHIDAPKDIASGLIGPLIICKKDSLDKEKEKHIDREFVVMFSVVDENFSWYLEDN
              180       190       200       210       220       230

            240       250       260       270       280       290
SEQ    IRAF-TESGKINTSDPRFEESMSMQSINGYIYGNLPNLTMCAEDRVQWYFVGMGGVADIH
       :.... .: :.. .. :.:: : :.::: ..:.:.:.::::::::.:.. ::: .:.:
NM_000 IKTYCSEPEKVDKDNEDFQESNRMYSVNGYTFGSLPGLSMCAEDRVKWYLFGMGNEVDVH
              240       250       260       270       280       290

            300       310       320       330       340       350
SEQ    PVYLRGQTLISRNHRKDTIMLFPSSLEDAFMVAKAPGVWMLGCQ----IHESMQAFFKVS
       ...:.::.:  :.: ::: :::::.: ::..:. :: .::.::   .. ..::::.:.
NM_000 AAFFHGQALTNKNYRIDTINLFPATLFDAYMVAQNPGEWMLSCQNLNHLKAGLQAFFQVQ
              300       310       320       330       340       350
```

```
                360        370        380        390        400        410
SEQ     NCQKPSTEAFVTGTHVIHYYIAAKEILWNYAPSGIDFFTKKNLTAAGSKSQLFFERSPTR
        .:.: :..   . : ::  ::::::::.:.:.:::::::::.:::.:::: :: : .::::.. ::
NM_000  ECNKSSSKDNIRGKHVRHYYIAAEEIIWNYAPSGIDIFTKENLTAPGSDSAVFFEQGTTR
                360        370        380        390        400        410

             420        430        440        450        460
SEQ     IGGTYKKLIYREYTDASFQTQKAR---EEHLGILGPVFKAEVGQTIKITFYNNASLPLSI
        ::.:.:::.::::::::: ..: :   :::::::::.::::.:::.:::.. :::: :
NM_000  IGGSYKKLVYREYTDASFTNRKERGPEEEHLGILGPVIWAEVGDTIRVTFHNKGAYPLSI
                420        430        440        450        460        470

            470        480          490        500        510        520
SEQ     QPPGLHYNKSNEGLFYE---TPGG-STPPPSSHVSPGTTFVYTWEVPKDVGPTSTDPNCL
        .: :...::.::: .:      .: . :.:: .::::. :::.: : :::.::::..:: ::
NM_000  EPIGVRFNKNNEGTYYSPNYNPQSRSVPPSASHVAPTETFTYEWTVPKEVGPTNADPVCL
                480        490        500        510        520        530

             530        540        550        560        570        580
SEQ     TWFYYSSVNGKKDINSGLLGPLLICRNGSLGDDGKQKGVDKEFYLLATIFDENESNLLDE
        . .::::.:.  :::  .:.::.::.   ::..:::  .:.:: :::::::::. :.:::::: ::..
NM_000  AKMYYSAVDPTKDIFTGLIGPMKICKKGSLHANGRQKDVDKEFYLFPTVFDENESLLLED
                540        550        560        570        580        590

             590        600        610        620        630        640
SEQ     N-RTFITEPENIDKEDTDCQASNKMYSINGYMYGNLPGLDTCLGDNVLWHVFSVGSVEDL
        :  : : :..::::  : :  :::::.:.:::::::: :::  : :.:.:.:.:.:. :.
NM_000  NIRMFTTAPDQVDKEDEDFQESNKMHSMNGFMYGNQPGLTMCKGDSVVWYLFSAGNEADV
                600        610        620        630        640        650

             650        660        670        680        690        700
SEQ     HGIYFSGNTFTSLGARRDTIPMFPYTSQTLLMTPDSIGTFDLVCMTIKHNLGGMKHKYHV
        ::::::::::.   : :::: .:: :: :: : ::. :::.. :.: : :::::.:: :
NM_000  HGIYFSGNTYLWRGERRDTANLFPQTSLTLHMWPDTEGTFNVECLTTDHYTGGMKQKYTV
                660        670        680        690        700        710

             710        720        730        740        750        760
SEQ     RQCGKPNPDQTQYQEEKIIITIAAEEMEWDYSPSRKWENELHHLRRENQTSMYVDRSGTL
        ::  . . ::.: :.       ::: :.:::::::.:.::.:::::::::: .. ..:.
NM_000  NQCRRQSEDSTFYLGERTYY-IAAVEVEWDYSPQREWEKELHHLQEQNVSNAFLDKGEFY
                720        730        740        750        760        770

              770         780        790         800          810         820
SEQ     LGSKYKKVLYRQYDDNTFTNQTKRNEGEKHLDILGPLILLNPGQIIQIIFKNKAARPYSI
        .:::::::::.:::: :.::    ..:. :.:: :::: . .  . :. ..::::: :.::::::
NM_000  IGSKYKKVVYRQYTDSTFRVPVERKAEEEHLGILGPQLHADVGDKVKIIFKNMATRPYSI
                780        790        800        810        820        830

             830        840        850        860        870        880
SEQ     HAHGVKTNNSTVVPTQPGEIQIYTWQIPDRTGPTSLDFECIPWFYYSTVSVAKDLHSGLV
        ::::::.::.:.:::: :::   :.:.::.:.   . :  :::: :::::. .:::.::::.
NM_000  HAHGVQTESSTVTPTLPGETLTYVWKIPERSGAGTEDSACIPWAYYSTVDQVKDLYSGLI
                840        850        860        870        880        890
```

```
            890           900        910       920        930
SEQ     GPLSVCR----KDINPN-IVHRVLHFMIFDENESWYFEDSINTYASKPNKVDKENDNFQL
        ::: :::      : .::    .. .: :..:::::::::..:.:.::..::.::.:....:
NM_000  GPLIVCRRPYLKVFNPRRKLEFALLFLVFDENESWYLDDNIKTYSDHPEKVNKDDEEFIE
          900         910        920     ,930        940         950


          940         950       960      970      980       990
SEQ     SNQMHAINGRLFGNNQGITFHVGDVVNWYLIGIGNEADLHTVHFHGHSFEYKHKYLI
        ::..:::::::.:::  :::.:.:::: ::::::.:.::: :::::::::::::.:::.
NM_000  SNKMHAINGRMFGNLQGLTMHVGDEVNWYLMGMGNEIDLHTVHFHGHSFQYKHR
          960         970       980      990      1000
```

995 residues in 1 query   sequences
1008 residues in 1 library sequences
 Scomplib [version 3.3t05 March 30, 2000]
 start: Wed Sep 18 11:16:31 2002 done: Wed Sep 18 11:16:32 2002
 Scan time: 0.050 Display time: 1.417

Function used was FASTA